

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA

COORDINACIÓN DE FORMACIÓN BÁSICA
COORDINACIÓN DE FORMACIÓN PROFESIONAL Y VINCULACIÓN UNIVERSITARIA
PROGRAMA DE UNIDAD DE APRENDIZAJE

I. DATOS DE IDENTIFICACIÓN

- 1. Unidad Académica:** Facultad de Ciencias Marinas
- 2. Programa Educativo:** Licenciatura en Biotecnología en Acuicultura
- 3. Plan de Estudios:**
- 4. Nombre de la Unidad de Aprendizaje:** Genética Acuícola
- 5. Clave:**
- 6. HC: 02 HL: 00 HT: 04 HPC: 00 HCL: 00 HE: 02 CR: 08**
- 7. Etapa de Formación a la que Pertenece:** Disciplinaria
- 8. Carácter de la Unidad de Aprendizaje:** Obligatoria
- 9. Requisitos para Cursar la Unidad de Aprendizaje:** Biología Celular y Molecular

Equipo de diseño de PUA

Ivone Giffard Mena
Alicia Abadía Cardoso
Luis Enríquez Paredes

Firma

Vo.Bo. de subdirector de Unidad Académica

Víctor Antonio Zavala Hamz

Firma

Fecha: 05 de octubre de 2017

II. PROPÓSITO DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Genética Acuícola es una asignatura disciplinaria obligatoria de la Licenciatura de Biotecnología en Acuicultura. Su propósito es que el alumno adquiera los conocimientos básicos de genética, mediante una metodología científica, para estudiar poblaciones de organismos de importancia acuícola y familiarizarlo con las estrategias de manejo de los recursos genéticos de los programas de crianza y selección. Para ello se utilizarán métodos de análisis de parámetros fenotípicos y genotípicos, así como ejemplos que logren aportar las bases para un buen desempeño profesional en esta disciplina. Es requisito haber acreditado la unidad de aprendizaje Biología Celular y Molecular para poder cursarla.

III. COMPETENCIA DE LA UNIDAD DE APRENDIZAJE

Analizar diferentes tipos de marcadores moleculares asociados a caracteres fenotípicos y genotípicos a través de programas de cómputo que permiten estimar los niveles de variabilidad, consanguineidad y heredabilidad para plantear estrategias de los recursos genéticos acuícolas en programas de crianza y selección con actitud crítica y responsable.

IV. EVIDENCIA(S) DE DESEMPEÑO

Diseña un programa de manejo genético para una especie acuícola de interés local o regional a partir de datos obtenidos de algún programa de selección genética o de información bibliográfica para plantear solución a una problemática real de mejoramiento genético. Presentación oral la propuesta por equipos ante el grupo y académicos invitados y entrega de la propuesta por escrito.

V. DESARROLLO POR UNIDADES
UNIDAD I. Panorama histórico

Competencia:

Identificar los elementos clave del progreso biotecnológico mediante la inspección de acontecimientos históricos y visita a laboratorios del Campus en los que se desarrolla investigación en genética para contextualizar las preocupaciones actuales sobre la conservación de recursos genéticos y la importancia de aplicar técnicas de manipulación genética sobre organismos acuáticos de forma responsable con el ambiente.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 1.1. Desarrollo del concepto de gen y crianza de animales acuáticos.
- 1.2. Cronología de descubrimientos en el campo de la genética.
- 1.3. Progreso acuícola.
- 1.4. Perspectivas biotecnológicas en la acuicultura.

UNIDAD II. Genética mendeliana.

Competencia:

Determinar cómo se heredan las características biológicas, mediante deducción mendeliana, para obtener rasgos deseables en las líneas de organismos de producción acuícola seleccionadas con disciplina y organización.

Contenido:

- 2.1. Cromosomas, genes y alelos.
- 2.2. Genotipo y fenotipo.
- 2.3. Segregación.
- 2.4. Dominancia, codominancia y recesividad.
- 2.5. Bases cromosómicas de la herencia y heredabilidad.

Duración: 4 horas

UNIDAD III. Genética poblacional

Competencia:

Constatar las leyes que gobiernan la transmisión de la información genética hereditaria de una generación a otra en una población, aplicando las técnicas base de Biología Molecular, para entender y evaluar aspectos reproductivos, fisiología digestiva, osmoregulación, defensa contra enfermedades y cambios de variabilidad genética con certeza y precisión.

Contenido:**Duración:** 4 horas

3.1 Genética en poblaciones de cultivo.

3.2 Técnicas para estimar la variación genética en acuicultura considerando aspectos de importancia en producción (RFLP, VNTR, RAPD, AFLP, Clonación, Secuenciación, SNP, QTL, NGS).

3.3 Polimorfismo y heterocigosidad.

3.4 Relación entre frecuencias alélicas y heterocigosidad.

UNIDAD IV. Cambio evolutivo

Competencia:

Especificar cómo ha ocurrido la evolución, mediante el entendimiento de los procesos de mutación, deriva génica, selección natural y migración, para descifrar las formas de recombinación del material genético y obtener organismos transgénicos con integridad.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 4.1. Procesos del cambio evolutivo
- 4.2. Teorías evolutivas de las poblaciones: Selección natural y deriva génica.
- 4.3. Evolución del material genético
- 4.4. Poliploides, Ginogénesis, Androgénesis
- 4.5. Híbridos
- 4.6. Organismos modificados genéticamente
- 4.7. Transgénesis.

UNIDAD V. Variabilidad genética en poblaciones naturales

Competencia:

Explicar los efectos de la localización geográfica, de las condiciones medioambientales y de las fuerzas selectivas sobre la variación genética y la estructura de una población, mediante el análisis de los resultados del confinamiento de las especies domesticadas sobre poblaciones silvestres, para valorar el impacto potencial de un programa de selección genética con responsabilidad y respeto.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 5.1 Consanguinidad.
- 5.2 Coadaptación, especiación y filogenia.
- 5.3 Variabilidad y estructura genética en las poblaciones naturales.
- 5.4 Problemas estadísticos asociados con los análisis genéticos.

UNIDAD VI. Caracteres cuantitativos

Competencia:

Referir los factores clave que determinan el desarrollo de los organismos y que son deseables en un programa de selección utilizando ejemplos reales en el sector acuícola y recursos educativos digitales para plantear una propuesta de manejo con convicción y confianza.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 6.1. Caracteres cuantitativos en organismos acuáticos
- 6.2. Tasa de crecimiento.
- 6.3. Eficiencia de conversión alimenticia.
- 6.4. Supervivencia.
- 6.5. Reproductivos.
- 6.6. Resistencia a enfermedades.

UNIDAD VII. Modelos numéricos

Competencia:

Aplicar modelos numéricos y estadísticos mediante el uso de programas computacionales específicos, para estimar componentes de similitud o varianza genética entre individuos de una población con compromiso y cooperación.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 7.1. Métodos para estimar parámetros fenotípicos y genéticos de la descendencia
- 7.2. Genética cuantitativa (estimación de frecuencias alélicas y genotípicas)
- 7.3. Heredabilidad
- 7.4. Diversidad y diferenciación genética en organismos acuáticos.
- 7.5. Trazabilidad
- 7.6. Genética de la conservación para especies de importancia pesquera y acuícola.
- 7.7. Programas de análisis de datos genéticos.

UNIDAD VIII. Programa de selección

Competencia:

Establecer procedimientos genéticos como selección dirigida y modificación genética para obtener una mejora en rasgos deseables en una población (heredados de una generación a la siguiente) con base en el uso de predicción numérica de la respuesta genética esperada y su comparación con los datos observados en un determinado set de parámetros fenotípicos o genotípicos con curiosidad y entusiasmo.

Contenido:

Duración: 4 horas

- 8.1 Historia de los programas de selección
- 8.2 Aplicabilidad de la genética en la granja acuícola.
 - 8.2.1 Estrategias de crianza.
 - 8.2.2 Métodos de selección.
 - 8.2.3 Diseño de programas de crianza.
 - 8.2.4 Evaluación del cambio genético.

VI. ESTRUCTURA DE LAS PRÁCTICAS DE TALLER

No. de Práctica	Competencia	Descripción	Material de Apoyo	Duración
1	<p>Analizar secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, mediante el acceso a bancos de información genética disponibles en internet para alinear secuencias, construir árboles filogenéticos y diseñar cebadores para PCR con atención y curiosidad.</p>	<p>Análisis De Secuencias De Ácidos Nucleicos. Como primer paso se revisa un par de video-animaciones en las que se describe el proceso de secuenciación. Posteriormente usarán las computadoras y el programa ChromasPro (Technelysium Pty Ltd) para el análisis de secuencias de ADN. Se iniciará el programa ChromasPro V1.5. Se indicará la ruta de acceso de los cromatogramas o archivos de salida del secuenciador automático (extensión *.ab1). Los archivos aparecerán en la ventana de análisis. Se selecciona uno de los archivos y parecerá una pantalla que despliega el cromatograma en que pueden revisar la secuencia en la que los cuatro nucleótidos (A, G, T, C), cada uno identificado con un color distinto, aparecen en la cadena de ADN que se esté analizando. Después, se seleccionan dos archivos en la ventana de análisis y se ensamblan: Assemble Selected (Ensamblar Selección) para ensamblar las secuencias individuales. Se exploran algunas de las opciones para editar y corregir errores de lectura del secuenciador. La secuencia puede salvarse en formato de texto o con alguna otra extensión compatible con los programas de análisis de secuencias (*.seq). Se usa el comando Analysis (Análisis) y el subcomando BLAST Search (Búsqueda en BLAST). Se usa el comando Analysis (Análisis) y el subcomando Translate (Traducir) para obtener la secuencia de aminoácidos correspondiente a la secuencia de nucleótidos analizada. Cuando se tienen una secuencia de aminoácidos, en el Editor de Textos del ChromasPro, se usa el comando Analysis (Análisis) y el subcomando Reverse Translation (Traducción inversa) para obtener la secuencia de nucleótidos correspondiente a su secuencia de aminoácidos. De manera análoga a lo que hace el programa ChromasPro, se hace una buscar directamente en la base de datos genéticos, si la secuencia que se obtuvo del análisis de los cromatogramas tiene similitudes con alguna de las secuencias depositadas en estos bancos de información electrónica. Se</p>	<p>Manual del laboratorio con guía para el uso de los programas, programa ChromasPro, Aula con computadoras en el Departamento de Información Académica (DIA). Acceso a internet.</p>	10 horas

		exploran algunas de las rutinas más empleadas para la búsqueda de secuencias relacionadas o búsqueda de secuencias de su interés.		
2	Conocer la importancia del diseño adecuado de cebadores para el análisis de las secuencias de ADN, ARN y proteínas, y las rutinas estratégicas más comunes de diseño de cebadores a través de distintas herramientas bioinformáticas con empeño y curiosidad.	Diseño De Cebadores. Se hace una búsqueda en las bases de datos de recursos genéticos de acceso público. Para ello se ingresa a la página electrónica del Centro Nacional de Información Biotecnológica de los Estados Unidos (NCBI: National Center for Biotechnological Information) a través de la siguiente liga: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/ . Se hace un alineamiento múltiple que permite detectar las regiones variables y conservadas entre especies. Para ello se ingresa a la página Multiple Sequence Alignment (http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin/) y se siguen las instrucciones.	Manual del laboratorio con guía para el uso de los programas, programa ChromasPro, Aula con computadoras en el Departamento de Información Académica (DIA). Acceso a internet.	9 horas
3	Comprender los fundamentos de las estimaciones de variabilidad, heredabilidad y salud genética de una población a partir de la estimación de los valores de H, FST y Ne mediante el uso de programas de análisis de datos disponibles en internet con atención y curiosidad.	Análisis De Datos Genéticos. Se Utiliza El Programa Mega 5.1 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) Que permite el análisis integral de secuencias de ADN, su alineamiento, identificación de sitios variables y regiones conservadas, así como la reconstrucción filogenética. Se revisan varios archivos, se asigna el genotipo a varias muestras y se discuten los registros para evaluar si existe consenso en la forma en la que se asigna el nombre a cada alelo y en el genotipo multilocus. Se estiman los índices de diversidad y coeficientes de diferenciación genética a partir de datos haploides (secuencias de ADN mitocondrial) y datos diploides codominantes (microsatélites). Se hace un análisis de asignación poblacional con base en el genotipado con microsatélites.	Manual del laboratorio con guía para el uso de los programas. Aula con computadoras en el Departamento de Información Académica (DIA). Acceso a internet.	15 horas
4	Comprender el vínculo que existe entre los genes y el fenotipo expresado en	Análisis De Loci De Un Carácter Cuantitativo (QTLs). A partir de datos reales de dos líneas puras de organismos de importancia acuícola con caracteres genéticamente distintos se hace un análisis de QTL. Se seleccionan dos líneas con	Manual del laboratorio con guía para el uso de los programas.	15 horas

	<p>los organismos, para evaluar el desempeño de los organismos y seleccionar el más adecuado para la acuicultura, a partir del análisis de loci de un carácter cuantitativo (QTL) con responsabilidad y entusiasmo.</p>	<p>alelos fijos que tienen influencia directa en el carácter de interés (p.e. el tamaño del huevo grande y chico). Se determina el marcador genético de interés (SNPs, microsatélites o RFLPs) que distinga las líneas parentales. A partir de simulaciones en computadora se cruzan las líneas parentales para obtener heterocigotos en la generación F1, los cuales a su vez se cruzan para obtener una F2 utilizando uno de los diferentes esquemas posibles. Finalmente, los fenotipos y genotipos de las cruzas de la población F2 se categorizan. Los marcadores que están genéticamente ligados al QTL se segregan con más frecuencia según los valores del carácter (p.e. huevo grande o chico), mientras que los marcadores no ligados a los caracteres no presentan una asociación significativa con el fenotipo.</p>	<p>Aula con computadoras en el Departamento de Información Académica (DIA). Acceso a internet.</p>	
5	<p>Estimar la proporción de la varianza fenotípica total en un carácter de una población que es atribuida a efectos genéticos, mediante la aplicación de modelos de heredabilidad y rendimiento, para predecir el éxito de un programa de mejora con responsabilidad para el ambiente.</p>	<p>Estimación De La Heredabilidad. Se explican los diferentes métodos de estimación de la heredabilidad a partir de la estimación de los componentes de la varianza. Se estima la heredabilidad en sentido amplio (h^2) y en sentido estricto (H^2) a partir de problemas reales en programas de mejora genética de especies de importancia acuícola proporcionados durante el taller.</p>	<p>Manual del laboratorio. Calculadora. Lápiz y cuaderno de notas.</p>	15 horas

VII. MÉTODO DE TRABAJO

Encuadre: El primer día de clase el docente debe establecer la forma de trabajo, criterios de evaluación, calidad de los trabajos académicos, derechos y obligaciones docente-alumno.

Estrategia de enseñanza (docente)

En clases teóricas el maestro empleará una presentación oral con apoyo de diapositivas u otros materiales audiovisuales y pizarrón, para explicar al alumno los conceptos de manera clara y breve. Demostrará al estudiante la importancia de los conocimientos mediante la ejemplificación de diversas situaciones.

En laboratorio el maestro proporcionará al estudiante los materiales necesarios para realizar la práctica correspondiente a la sesión iniciando la clase con una explicación de las actividades a realizar.

Se sugiere poner énfasis en el empleo de las siguientes herramientas metodológicas:

Motivar a los alumnos que desarrollen investigación mediante la búsqueda de conceptos propios del área y cuestionarlos sobre lo estudiado.

Estimular su capacidad de síntesis e investigación mediante elaboración de ensayos sobre temas vistos en clase.

Proporcionar a los alumnos orientación sobre la toma correcta de muestras de organismos acuáticos para obtener tejidos específicos (disección y procesado) de manera higiénica y sin contaminación y resaltar los cuidados en el laboratorio durante la extracción del material genético (ADN, ARN) y proteínas.

Vigilar la aplicación del método científico durante la entrega de cada reporte de laboratorio, proporcionar revisiones.

Alentar su capacidad de investigación y de comunicación oral mediante exposición pública.

Incentivar el uso de herramientas computacionales en línea mediante el acceso a bancos de genes y programas de genética gratuitos.

Conocer la ubicación, la función, a los investigadores responsables de los distintos laboratorios de docencia o investigación en los que se imparten cursos y se desarrollan proyectos relacionados con la genética de organismos marinos con ética y responsabilidad.

Estrategia de aprendizaje (alumno)

Se resuelven problemas relacionados con las frecuencias alélicas y genotípicas de los organismos. A partir de matrices de datos reales de marcadores moleculares (microsatélites y SNPs), se estiman los valores esperados y observados y se realiza una prueba de χ^2 para determinar si la población se encuentra en equilibrio.

VIII. CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Criterios de acreditación

80% de asistencia para tener derecho a examen ordinario y 40% de asistencia para tener derecho a examen extraordinario de acuerdo con el Estatuto Escolar artículos 70 y 71.

Calificación en escala del 0 al 100, con un mínimo aprobatorio de 60.

Criterios de evaluación

3 exámenes escritos.....	40%
Exposición en equipo y reporte escrito.....	10%
Evidencia de desempeño.....	50%
(Diseñar un programa de manejo genético para una especie acuícola de interés local o regional)	
Total.....	100%

IX. REFERENCIAS

Básicas	Complementarias
<p>Alberts, B. (2015). Molecular biology of the cell. 6ta Ed. Garland Science. New York, USA. 1268 pp.</p> <p>Ayala, F.J. y J.A. Kiger. (1984). Genética Moderna. Fondo Educativo Interamericano. México. 836 pp [clásica]</p> <p>Beaumont, A.R. y K. Hoare. (2010). Biotechnology and Genetics in Fisheries and Aquaculture. 2da Ed. Blackwell Publishing. Oxford, USA. 158 pp. [clásica]</p> <p>Bert, T.M. (2007). Ecological and genetic implications of aquaculture activities. Springer, 545 pp. [clásica]</p> <p>Dunham, R.A. (2011). Aquaculture and fisheries biotechnology: genetic approaches. 2da Ed. CABI Publishing. Cambridge, USA. 372 pp. [clásica]</p> <p>Gjedrem, T. (2005). Selection and breeding programs in aquaculture. Springer. New York, USA. 364 pp. [clásica]</p> <p>Griffiths, A.J.F, S.R. Wessler, S.B. Carroll y J. Doebley. (2010). Introduction to genetic analysis. 10th Ed. W.H. Freeman and Co., 838 pp. [clásica]</p> <p>Lutz, Ch.G. (2001). Practical genetics for aquaculture. Fishing News Books. Oxford, USA. 235 pp. [clásica]</p> <p>Robinson, T. R. (2010). Genetics For Dummies. 2nd Ed. Wiley publishing. 364 pp. [clásica]</p>	<p>Cold Spring Laboratory, 3 volúmenes. [clásica]</p> <p>Conner, J.K. (2004). A primer of Ecological Genetics. Sinauer Associates 304 pp. [clásica]</p> <p>Coyne J.A. (2004). Speciation. Sinauer Associates. 545 pp. [clásica]</p> <p>Falconer, D.S. y T.F.C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. Longman. London and New York. USA. 562 pp [clásica]</p> <p>Futuyma, D. (2013). Evolution. 3rd Ed. Sinauer Associates. 633 pp.</p> <p>Genética Cuantitativa: http://dendrome.ucdavis.edu/help/tutorials/quantitative.php</p> <p>Genética Cuantitativa: http://www.ndsu.edu/pubweb/~mcclean/plsc431/quantgen/qgen1.htm</p> <p>Hartwell L., Hood L., Goldberg M. y Reynolds A. (2015). Genetics: From Genes to Genomes. 5th Ed. McGraw-Hill.</p> <p>Hedrick PW. (2011). Genetics of Populations. 4th Ed. Jones & Bartlett Learning.</p> <p>Lewin, B. (2017) Genes IX. Jones and Bartlett Publishers. Sudbury, MA. 892 pp.</p> <p>National Center for Biotechnology Information: http://www.ncbi.nlm.nih.gov</p> <p>Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2016). El estado mundial de la pesca y la acuicultura. Contribución a la seguridad alimentaria y la nutrición para todos. Roma. 224 pp.</p> <p>Paniagua-Michel, J.J. (2009). Biotecnología Marina. AGT editor. 431 pp. [clásica]</p> <p>Sambrook, J. (2001). Molecular cloning: a laboratory manual</p>

X. PERFIL DEL DOCENTE

El docente de esta asignatura debe poseer título de licenciatura en Ciencias Biológicas, Bioquímica, Bioingeniería, Bioinformática o algún área afín. Preferentemente Posgrado en Ciencias del Mar o experiencia probada en el área. Debe ser una persona, puntual honesta y responsable, con facilidad de expresión, motivador en la participación de los estudiantes, tolerante y respetuoso de las opiniones.